

Biosíntesis de fenilalanina en coníferas: la familia de las arogenato deshidratasa de *Pinus pinaster*.

Jorge El-Azaz, Fernando de la Torre, Concepción Ávila y Francisco M. Cánovas

Departamento de Biología Molecular y Bioquímica. Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga. Campus de Teatinos, SN.

Este trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad del Gobierno de España (proyecto ref. BIO2012 33797) y la Junta de Andalucía (proyecto ref. BIO-114).

En las plantas, la biosíntesis de los aminoácidos aromáticos tirosina y fenilalanina tiene lugar en los cloroplastos a través de una ruta metabólica conocida como ruta del prefenato, y que tiene su origen en la ruta del siquimato. La biosíntesis de fenilalanina a través de la ruta del prefenato tiene lugar dos reacciones consecutivas: la primera de ellas consiste en la conversión de prefenato en arogenato a través de una reacción de transaminación (actividad prefenato-arogenato aminotransferasa, PAT) y posteriormente la transformación del arogenato en fenilalanina (actividad arogenato deshidratasa, ADT). Muy recientemente, dos nuevas publicaciones han aportado evidencias al respecto de la posibilidad de la existencia de una vía alternativa de biosíntesis de fenilalanina, que no dependería de arogenato (Yoo et al., 20013; de la Torre et al., 2014). En esta ruta alternativa el prefenato sería transformado en fenilpiruvato a través de la enzima prefenato deshidratasa (PDT). El fenilpiruvato producido en esta reacción sería posteriormente convertido en fenilalanina a través de una transaminasa de aminoácidos aromáticos. Una particularidad de especial interés es el hecho de que las actividades ADT y PDT se encuentran en las mismas proteínas en *Arabidopsis thaliana* (Cho et al., 2007).

En los últimos años, nuestro grupo de investigación ha estado trabajando en la ruta del prefenato, centrados principalmente en la enzima prefenato-arogenato aminotransferasa de *Pinus pinaster*, y más recientemente en la caracterización de familia de las ADT en esta misma especie. La presente comunicación desarrolla el trabajo de caracterización que estamos realizando en la familia de genes ADT/PDT de *P. pinaster*, integrada por al menos 9 genes candidatos presentes en el transcriptoma de esta especie (Canales et al., 2013). Estos genes candidatos presentan patrones de expresión característicos y dependientes del órgano y el estadio de desarrollo de la planta. Adicionalmente, de estos 9 genes, 3 de ellos forman un grupo filogenético característico de gimnospermas. Los objetivos de nuestro trabajo se encuentran actualmente enfocados en la caracterización funcional de este grupo de 3 genes ADT/PDT característicos de coníferas.

Canales J, Bautista R, Label P, Gómez-Maldonado J, Lesur I, Fernández-Pozo N, Rueda-López M, Guerrero-Fernández D, Castro-Rodríguez V, Benzekri H, Cañas RA, Guevara MA, Rodrigues A, Seoane P, Teyssier C, Morel A, Ehrenmann F, Le Provost G, Lalanne C, Noirot C, Klopp C, Reymond I, García-Gutiérrez A, Trontin JF, Lelu-Walter MA, Miguel C, Cervera MT, Cantón FR, Plomion C, Harvengt L, Avila C, Gonzalo Claros M, Cánovas FM. (2013). De novo assembly of maritime pine transcriptome: implications for forest breeding and biotechnology. *Plant Biotechnol J.* 12(3):286-99.

Cho MH, Corea OR, Yang H, Bedgar DL, Laskar DD, Anterola AM, Moog-Anterola FA, Hood RL, Kohalmi SE, Bernards MA, Kang C, Davin LB and Lewis NG. (2007) Phenylalanine biosynthesis in *Arabidopsis thaliana*. Identification and characterization of arogenate deshydratases. *J Biol Chem.* 282(42):30827-35.

De la Torre F, El-Azaz J, Ávila C and Cánovas FM. (2014). Deciphering the role of aspartate and prephenate aminotransferase activities in plastid nitrogen metabolism. *Plant Physiol.* 164(1):92-104.

Yoo H, Widhalm JR, Qian Y, Maeda H, Cooper BR, Jannasch AS, Gonda I, Lewinsohn E, Rhodes D and Dudareva N. (2013). An alternative pathway contributes to phenylalanine biosynthesis in plants via a cytosolic tyrosine:phenylpyruvate aminotransferase. *Nat Commun.* 4:2833.